

Název práce: Vícečetné zarovnávání sekvencí

Autor: Matej Ferenc

Katedra (ústav): Katedra aplikované matematiky

Vedoucí bakalářské práce: RNDr. Ondřej Pangrác, Ph.D.

e-mail vedoucího: pangrac@kam.mff.cuni.cz

Abstrakt: V práci studujeme problém zarovnání viacerých proteínových alebo DNA sekvencí.

Existuje mnoho prístupov k jeho riešeniu, pričom niektoré algoritmy sú optimalizované na rýchlosť, iné na kvalitu zarovnania. Implementujeme dve metódy - iteratívnu a progresívnu, ktoré vychádzajú z rovnakého princípu: použiť vývojové stromy, pomocou ktorých zostavíme zarovnanie. Zavedieme niekoľko metód na výpočet vzdialenosti sekvencií. Cieľom práce je porovnať jednotlivé metódy pre zarovnanie a zistiť, kedy je ich vhodné použiť a tiež nájsť parametre, pomocou ktorých dosiahneme najlepšie výsledky zarovnania.

Klíčová slova: bioinformatika, zarovnanie, sekvencie